

研究简报

高致病性猪蓝耳病病毒GS/LZh/07株的分离、鉴定及其非结构蛋白Nsp2基因特性分析

吴锦艳<sup>1</sup>, 田宏<sup>1</sup>, 尚佑军<sup>1</sup>, 刘湘涛<sup>1\*</sup>, 郑海学<sup>1</sup>, 靳野<sup>1</sup>, 尹双辉<sup>1</sup>,

满自萍<sup>1, 2</sup>, 赵娜<sup>1, 2</sup>, 蔡承茹<sup>1, 3</sup>, 蔺芳<sup>1, 3</sup>, 谢庆阁<sup>1</sup>

1. 中国农业科学院兰州兽医研究所 家畜疫病病原生物学国家重点实验室

农业部畜禽病毒学重点开放实验室, 兰州 730046; 2. 宁夏大学, 银川 750021;

3. 甘肃农业大学, 兰州 730070

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 将高致病性猪蓝耳病疑似病料接种Marc145细胞, 发现该病料可使Marc145细胞产生CPE, 应用猪蓝耳病病原检测试剂盒从细胞培养物中检测到PRRSV, 命名为Gs/Lzh/07株。同时应用RT-PCR方法扩增该分离毒株的非结构蛋白Nsp2基因, 并进行了序列测定, 发现所扩增到的Nsp2基因有90个核苷酸的缺失。序列比对结果表明: 该分离病毒Nsp2基因与经典毒株PRRSV-ch-1a核苷酸同源率为83.0%, 氨基酸同源率为72.7%; 与高致病性变异毒株NX和SD核苷酸同源率为95.5%, 氨基酸同源率为90.9%, 可见该毒来源于2006-2007年流行毒株, 说明高致病性猪蓝耳病变异病毒已经在甘肃省存在。该毒株的成功分离为高致病性猪蓝耳病流行病学调查分析提供数据, 也为预防控制该病积累了资料。Nsp2的特性分析为揭示高致病性猪蓝耳病PRRSV在甘肃省的流行特点提供参考。

关键词

[高致病性猪蓝耳病病毒](#) [分离](#) [鉴定](#) [Nsp2: 特性分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘湘涛 [hnxiaogtao@hotmail.com](mailto:hnxiaogtao@hotmail.com)

作者个人主页: 吴锦艳<sup>1</sup>; 田宏<sup>1</sup>; 尚佑军<sup>1</sup>; 刘湘涛<sup>1\*</sup>; 郑海学<sup>1</sup>; 靳野<sup>1</sup>; 尹双辉<sup>1</sup>; 满自萍<sup>1; 2</sup>; 赵娜<sup>1; 2</sup>; 蔡承茹<sup>1; 3</sup>; 蔺芳<sup>1; 3</sup>; 谢庆阁<sup>1</sup>

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(1725KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“](#)

[高致病性猪蓝耳病病毒” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [吴锦艳](#)
- [田宏](#)
- [尚佑军](#)
- [刘湘涛](#)
- [郑海学](#)
- [靳野](#)
- [尹双辉](#)
- [满自萍](#)
- [赵娜](#)